

Sekans Verilerini Kullanarak COVID-19'un Ortaya Çıkışını ve Yayılmasını İzleme

Sam Lycett'in SARS-CoV-2 / COVID-19 çalıştayındaki sunumunun bir özeti.

SARS-CoV-2 sekanslarının filogenetik analizleri, virüsün SARS'a çok benzer olduğunu, ancak aynı zamanda yarasalarda daha önce tanımlanan çeşitli diğer beta-koronavirüslere de benzediğini göstermektedir. Halka açık GISAID veri tabanında (<https://www.gisaid.org>) küresel olarak paylaşılan viral sekans verileri sayesinde bu ilişkileri tespit edebilmekteyiz. Ocak ve Şubat boyunca, kaydedilen sekansların çoğu Asya'dan izole edildi, ancak son haftalarda Avrupa ve Kuzey Amerika'dan gelen sayılarda artış görülmektedir.

SARS-CoV-2 sekansları birbirine çok benzemektedir, ancak izolatlar (hastalardan alınan örnekler) arasında bazı mutasyonlar görebiliyoruz. Bu mutasyonların virülansı etkilemesini beklememize rağmen, salgının yayılışını izlemek için bunları kullanabiliriz.

Mevcut tüm sekanslardan zamana bağlı bir filogenetik ağaç oluşturulduğunda, virüsün kökenini Kasım 2019 olarak tahmin edebilmekteyiz. Aynı ağaç, virüsün Birleşik Krallık'a birçok kez sokulduğunu ve yayılım kümelerinin her girişten ayrı şekilde başladığını göstermektedir. Farklı kıtalardan gelen sekanslardaki belirgin kümeleri de görebiliriz; örneğin, Avrupa kaynaklı sekanslar, Okyanusya sekanslarına kıyasla birbirlerini çok daha fazla benzemektedir.

Bu veriler bir dünya haritası üzerine yerleştirildiğinde, Ocak ve Şubat aylarındaki viral yayılmanın merkez üssünün Asya olduğu ve buradan Avrupa, Avustralya ve Kuzey Amerika'ya doğru olduğu gözlenebilir. Bununla birlikte, zaman ilerledikçe, salgının merkezi Asya yerine Avrupa'ya taşındı ve buradan Güney Amerika'ya ve başka yerlere yayıldı.

Daha fazla sekans verisi topladıkça, virüsün yayılması hakkında, farklı ülkeler ve kıtalar arasındaki R_0 farklarını tahmin etmek gibi daha fazla ayrıntıyı tespit edebiliriz. Bunun neticesinde, hangi eylem stratejilerinin en etkili olduğunu görmemiz kolaylaşabilir.